纤维素酶和复合益生菌对全株玉米青贮品质的影响

孙贵宾[1] 常 娟[1*] 尹清强[1] 刘超齐[1] 谢凤莲[1] 王 平[1] 党晓伟[2] 张志敏[3]

（1.河南农业大学牧医工程学院，郑州 450002；2.河南德邻生物制品有限公司，新乡 453000；3.陕西省微生物研究所，西安 710043）

摘 要：本试验旨在研究纤维素酶和复合益生菌对全株玉米青贮品质的影响。以全株玉米为材料，试验分为对照组（不含添加剂）、纤维素酶（1 g/kg）组、复合益生菌（2 mL/kg）组、复合益生菌（2 mL/kg）和纤维素酶（1 g/kg）联合组（菌酶联合组）进行青贮，每组 3 个重复。青贮 45 d 后，测定全株玉米青贮的营养成分、发酵品质和微生物菌落数，分析纤维素酶和复合益生菌对全株玉米青贮品质的影响。结果表明：1）纤维素酶组和菌酶联合组全株玉米青贮中的粗蛋白质含量均显著高于对照组（$P<0.05$）；与对照组相比，菌酶联合处理显著降低了全株玉米青贮的中性洗涤纤维（NDF）、酸性洗涤纤维（ADF）和纤维素的含量（$P<0.05$）。2）与对照组相比，各试验组全株玉米青贮的感官品质得到提高，可溶性碳水化合物含量和 pH 显著降低（$P<0.05$）；菌酶联合处理显著降低了全株玉米青贮的氨态氮/总氮（$P<0.05$）。3）与对照组相比，菌酶联合处理显著降低了全株玉米青贮中的乳酸菌、酵母菌和需氧菌的数量（$P<0.05$）。本试验得出，纤维素酶和复合益生菌的联合处理有效提高了全株玉米青贮的营养价值和品质。

关键词：全株玉米青贮；纤维素酶；复合益生菌；青贮品质

中图分类号: S 文献标识码:A 文章编号:

青贮是饲草保存的一种经济有效的方法，青贮过程中通过乳酸菌的发酵可以提高饲料的适口性和延长饲料的贮存期，如何让乳酸菌快速地成为优势菌群是提高青贮质量的关键性问题[1]。通过添加乳酸菌调控微生物的发酵，提高青贮饲料的品质，在国内外已有许多相关的报道[2-4]。酵母菌可改善青贮饲料的适口性和风味，在厌氧环境下，酵母菌可分解糖，产

收稿日期：2018-04-19

基金项目：河南省产学研合作计划项目（162107000069）；国家自然科学基金项目（U1204325）；陕西省科学院项目（2016k-10）

作者简介：孙贵宾（1992-），男，河南项城人，硕士研究生，研究方向为动物营养与饲料科学。E-mail: 1281687422@qq.com

*通信作者：常 娟，副教授，硕士生导师，E-mail: changjuan2000@126.com

生乙醇、乙酸、丙酸和少量的乳酸[5]。王富生等[6]的研究发现，在青贮过程中添加酵母菌可提高青贮饲料中的粗蛋白质含量。任付平[7]研究发现，玉米秸秆青贮过程中添加酒精酵母可以增加其粗蛋白质的含量，生成乙醇等物质，使青贮饲料具有酒香味。

纤维素酶可以水解结构性碳水化合物，增加纤维的降解，是改善青贮品质、提高营养价值的一种行之有效的方法。蔡元[8]研究发现，在玉米秸秆青贮中添加和氏璧青贮酶可明显改善其感官品质，显著提高粗蛋白质含量，降低中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维的含量。Chilson 等[9]研究表明，青贮饲料中添加纤维素酶和乳酸菌可提高青贮品质，促进纤维降解。本实验室前期对益生菌的组合和比例进行了优化，对纤维素酶的添加水平进行了研究，但复合益生菌和纤维素酶联合处理的效果有待进一步研究。因此，本试验利用纤维素酶和复合益生菌处理全株玉米，研究其对全株青贮玉米的营养价值和发酵品质的影响，为秸秆青贮添加剂的开发和应用提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　试验材料

试验选用的全株玉米来源于河南三色鸽乳业有限公司。试验所用复合益生菌来自河南农业大学饲料生物技术实验室，包含植物乳杆菌（*Lactobacillus plantarum*）和酿酒酵母（*Saccharomyces cerevisiae*），活菌数均调整为 1.0×10^9 CFU/mL。纤维素酶来自山东泽生生物科技有限公司，纤维素酶活力≥20 000 U/g。

1.2　试验设计

试验分为 4 个组，分别为对照组（不添加任何添加剂）、纤维素酶组（添加 1 g/kg 纤维素酶）、复合益生菌组（添加 2 mL/kg 复合益生菌，植物乳杆菌：酿酒酵母=1:1）、纤维素酶和复合益生菌联合组（菌酶联合组，添加 1 g/kg 纤维素酶和 2 mL/kg 复合益生菌），每组 3 个重复。全株玉米收割后，每个聚乙烯真空包装袋填充秸秆 500 g，并用真空包装机真空封口，室温青贮发酵 45 d 后开袋，对其感官评分、营养价值和发酵品质进行测定。

1.3　指标测定

1.3.1　感官评定

感官评定方法采用德国农业协会（DLG）评分法，根据色泽、气味、结构进行评分，将青贮饲料评定为下（0~4 分）、中（5~9 分）、可（10~15）、优（16~20 分）4 个等级[10]。

1.3.2　营养成分测定

干物质含量的测定：采用烘干恒重法[11]。粗蛋白质含量的测定：采用凯氏定氮法[11]。粗脂肪含量的测定：采用索氏脂肪提取法[11]。粗灰分含量的测定：采用灰化法[11]。中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维、纤维素、半纤维素、酸性洗涤木质素含量的测定：参照范氏（Van Soest）洗涤纤维分析法[12]。钙含量的测定：采用乙二胺四乙酸二钠络合滴定法[13]。磷含量的测定：采用钼黄分光光度法[13]。

1.3.3 发酵品质测定

pH 测定：称取 10 g 样品于 250 mL 的三角瓶中，加入 90 mL 蒸馏水，摇床 150 r/min 振荡 10 min，通过定性滤纸过滤，所制备的青贮饲料浸提液采用 pHS-3C pH 计进行测定。氨态氮含量的测定：采用苯酚-次氯酸比色法[14]。可溶性碳水化合物含量的测定：采用蒽酮-硫酸比色法[15]。

1.3.4 微生物菌落数测定

称取 10 g 样品于 250 mL 灭菌的三角瓶中，加入 90 mL 质量分数为 0.9%的灭菌生理盐水，摇匀后将此溶液稀释 10～10^6 倍。乳酸菌用 MRS 培养基培养，酵母菌用麦芽浸膏琼脂培养基培养，需氧菌用 LB 培养基培养。乳酸菌和需氧菌在 37 ℃培养 48 h，酵母菌在 30 ℃培养 48 h。菌落数用平板计数法进行测定，结果以每克饲料所含的菌落数来表示[16]。

1.4 数据统计

试验数据采用 SPSS 20.0 统计软件进行单因素方差分析，并用 Duncan 氏法对各组进行多重比较，$P<0.05$ 为差异显著，结果用平均值±标准差表示。

2 结 果

2.1 全株玉米营养成分分析

青贮前进行取样，测定原料中营养成分含量，全株玉米的营养组成如表 1 所示。全株玉米中含有较高的 CP，其含量为 8.35%。

表 1 全株玉米的营养组成（干物质基础）

Table 1 Nutrition composition of whole corn (DM basis) %

项目 Item	粗蛋白质 CP	粗脂肪 EE	中性洗涤纤维 NDF	酸性洗涤纤维 ADF	纤维素 Cellulose	半纤维素 Hemicellulose	酸性洗涤木质素 ADL	粗灰分 Ash	钙 Ca	磷 P

含量 Content	8.35	2.89	74.64	41.05	30.01	33.59	7.66	7.95	0.39	0.25

2.2 不同添加剂处理对全株青贮玉米营养成分的影响

由表 2 可知，纤维素酶组和菌酶联合组全株青贮玉米的粗蛋白质含量均显著高于对照组（P＜0.05），其中菌酶联合组的粗蛋白质含量最高，为 9.95%。菌酶联合组全株青贮玉米的中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量显著低于对照组、纤维素酶组和复合益生菌组（P＜0.05）。菌酶联合组全株青贮玉米的纤维素含量显著低于对照组（P＜0.05），与纤维素酶组差异不显著（P＞0.05）。菌酶联合组全株青贮玉米的酸性洗涤木质素含量显著低于纤维素酶组（P＜0.05）。菌酶联合组和纤维素酶组全株青贮玉米的粗灰分含量显著高于其他 2 组（P＜0.05）。各组之间的粗脂肪、半纤维素、钙和磷含量无显著差异（P＞0.05）。

表 2 各组全株青贮玉米的营养组成（干物质基础）

Table 2 Nutrition composition of whole corn silage in each group (DM basis) %

项目 Items	对照组 Control group	纤维素酶组 Cellulase group	复合益生菌组 Compound probiotics group	菌酶联合组 Probiotics and enzyme combination group
粗蛋白质 CP	9.05±0.24^{b}	9.89±0.16^{a}	9.46±0.22^{ab}	9.95±0.44^{a}
粗脂肪 EE	6.19±1.28	6.45±0.77	6.58±1.56	6.21±1.52
中性洗涤纤维 NDF	70.81±1.58^{a}	68.75±1.13^{a}	70.29±1.77^{a}	66.16±0.63^{b}
酸性洗涤纤维 ADF	39.61±1.51^{a}	38.59±1.00^{a}	39.18±0.53^{a}	35.12±1.46^{b}
纤维素 Cellulose	27.59±1.27^{ab}	25.61±1.51^{bc}	28.78±1.56^{a}	24.56±0.54^{c}
半纤维素 Hemicellulose	31.20±1.63	30.16±2.11	31.11±1.31	31.04±1.36
酸性洗涤木质素 ADL	8.79±0.72^{ab}	9.72±0.94^{a}	9.16±1.26^{ab}	7.36±1.24^{b}
粗灰分 Ash	7.97±0.20^{b}	8.93±0.13^{a}	8.25±0.12^{b}	8.86±0.35^{a}

钙 Ca	0.39±0.03	0.45±0.02	0.41±0.04	0.41±0.04
磷 P	0.25±0.01	0.26±0.01	0.28±0.02	0.27±0.02

同行数据肩标不同小写字母表示差异显著（P <0.05），无字母或相同字母表示差异不显著（P>0.05）。下表同。

In the same row, values with different small letter superscripts mean significant difference (P <0.05), While with no letter or the same letter superscripts mean no significant difference (P＞0.05). The same as below.

2.3 不同添加剂处理对全株青贮玉米发酵品质的影响

由表 3 可知，试验组全株青贮玉米的感官评分均高于对照组，菌酶联合组的评分最高，为 19 分，各试验组评分在 16~19 分，为优等，香味较浓。与对照组相比，试验组全株青贮玉米的 pH 均显著降低（P＜0.05），其中复合益生菌组 pH 最低。菌酶联合组全株青贮玉米中的氨态氮/总氮显著低于对照组和纤维素酶组（P＜0.05）。试验组全株青贮玉米的可溶性碳水化合物含量均显著低于对照组（P＜0.05）。

表 3 各组全株青贮玉米的发酵品质

Table 3 Fermentation quality of whole corn silage in each group

项目 Items	对照组 Control group	纤维素酶组 Cellulase group	复合益生菌组 Compound probiotics group	菌酶联合组 Probiotics and enzyme combination group
感官评分 Sensory score	14	16	17	19
pH	3.61±0.02^{a}	3.45±0.02^{b}	3.40±0.03^{c}	3.43±0.02^{bc}
氨态氮/总氮 NH_3-N/TN/%	4.03±0.20^{a}	4.05±0.35^{a}	3.86±0.19^{ab}	3.54±0.11^{b}
可溶性碳水化合物 WSC/% DM	4.10±0.22^{a}	3.57±0.23^{b}	3.37±0.31^{b}	3.31±0.30^{b}

2.4 不同添加剂处理对全株青贮玉米微生物菌落的影响

由表 4 可知，对照组和复合益生菌组的乳酸菌的数量显著高于纤维素酶组和菌酶联合组（P＜0.05）。菌酶联合组酵母菌的数量显著低于其他试验组和对照组（P＜0.05）。菌酶

联合组需氧菌的数量显著低于复合益生菌组（P<0.05），与其他各组差异不显著（P>0.05）。

表 4　各组全株青贮玉米微生物菌落数

Table 4　Number of microbial colonies of whole corn silage in each group　　$\log_{10}$ CFU/g

项目 Items	对照组 Control group	纤维素酶组 Cellulase group	复合益生菌组 Compound probiotics group	菌酶联合组 Probiotics and enzyme combination group
乳酸菌 Lactic acid bacteria	7.84±0.08[a]	7.49±0.05[b]	7.90±0.11[a]	7.57±0.06[b]
酵母菌 Yeasts	6.96±0.04[a]	6.94±0.14[a]	7.12±0.25[a]	6.60±0.16[b]
需氧菌 Aerobic bacteria	7.58±0.03[ab]	7.56±0.12[ab]	7.66±0.17[a]	7.41±0.11[b]

3　讨　论

3.1　全株玉米营养成分

青贮饲料的营养价值主要取决于原料的营养价值和发酵品质的好坏，欧美等畜牧业发达国家在秸秆利用方面基本上是选用全株青贮。本试验中选用全株玉米含有相对较高的粗蛋白质和中性洗涤纤维，这可能与玉米品种有关。许庆方等[17]研究表明，不同的玉米品种之间粗蛋白质、中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量有较大的差异。本试验所选用的品种为登海518，是河南南阳地区广泛推广使用的一种全株青贮玉米品种。

3.2　不同添加剂处理对全株青贮玉米营养成分的影响

纤维素酶可降解植物细胞壁的结构性多糖为单糖，并为微生物发酵提供充分的底物，改善青贮饲料品质[18-19]。本试验中纤维素酶组和菌酶联合组的粗蛋白质含量显著高于对照组，这可能与纤维成分的降解促进了微生物的生长有关。酵母菌自身含有较高的蛋白质，因此在饲料发酵行业应用广泛，青贮中添加酵母，既可以提高青贮粗蛋白质含量增加营养价值，又可改善青贮饲料的香味[20-21]。张强等[22]研究发现复合乳杆菌与酿酒酵母配比可提高青贮料的粗蛋白质含量。张相伦等[23]的研究表明，在玉米青贮中添加纤维素酶和乳酸菌制剂可提高青贮料中的粗蛋白质含量。

本试验中菌酶联合组全株青贮玉米中的酸性洗涤纤维和中性洗涤纤维含量均显著低于其也各组，纤维素含量也显著低于对照组和复合益生菌组，酸性洗涤木质素含量显著低于纤维素酶组，说明菌酶联合处理对全株玉米中纤维成分的降解利用效果最好。纤维素酶组和复

合益生菌组全株青贮玉米的中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量与对照组均差异不显著，说明单一添加酶和单一添加复合菌均不能促进全株玉米中纤维的降解。Ni 等[24]的研究表明，纤维素酶和乳酸菌共同添加可显著降低青贮料的中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量。谭树义等[25]的研究也同样说明，玉米秸秆青贮时添加复合酶和乳酸菌制剂可显著降低其中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量。王兴刚[26]发现，乳酸菌+酶制剂处理显著提高了青贮稻秸的粗蛋白质含量，极显著降低了青贮稻秸的中性洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量，在整体改善效果上，乳酸菌+酶制剂>酶制剂>乳酸菌。本试验结果中纤维素酶组粗灰分含量反而显著升高，具体原因有待进一步研究。综合结果表明，菌酶联合组与单一处理组相比，显著提高了青贮饲料的营养价值。

酶制剂对秸秆纤维成分的降解作用已被国内外许多的研究所证明[27-30]。本试验中纤维素酶组和复合益生菌组相比，纤维素酶组全株青贮玉米的纤维素含量显著低于复合益生菌组，中心洗涤纤维和酸性洗涤纤维含量有降低的趋势，但差异不显著，说明纤维素酶组对全株玉米纤维成分降解的效果优于复合益生菌组，这可能是由于复合益生菌中的乳酸菌和酵母菌不能分泌纤维素酶，对全株玉米纤维成分无降解作用。

3.3 不同添加剂处理对全株青贮玉米发酵品质的影响

纤维素酶处理和复合益生菌处理均在一定程度上提高了青贮饲料的感官评分，其中菌酶联合处理的效果尤为明显，酸香味较浓，质地柔软，这与张强等[22]关于乳杆菌和酿酒酵母菌复配的发酵剂改善饲料品质的研究结果相一致，感官评定的结果也与青贮玉米成分分析中菌酶联合处理更能有效降解全株青贮玉米中纤维成分的结论相一致。

纤维素酶和复合益生菌的添加对全株青贮玉米 pH 均有显著的降低作用，其中复合益生菌的添加对全株青贮玉米 pH 具有更显著的影响作用。乳酸菌是青贮成功的关键之一，要使乳酸菌尽快繁殖，每克原料必须有 10^5 以上个乳酸菌[7]，酵母菌发酵后可增加青贮料的营养价值，改善其适口性[31-32]，因此添加复合益生菌（植物乳杆菌和酿酒酵母）可增加乳酸菌数量，迅速降低青贮料的 pH，抑制有害微生物的活动，减少营养物质的消耗，改善青贮品质。本试验中，复合益生菌和纤维素酶的添加显著降低了青贮料的 pH，这说明这 2 中添加剂具有良好的青贮效果。

青贮饲料中的氨态氮主要由植物酶和微生物对蛋白质的降解产生，氨态氮/总氮反映了

青贮饲料蛋白质的降解程度[23]。菌酶联合组全株青贮玉米的氨态氮/总氮显著降低，这说明该组发酵效果较好，可能是因为 pH 的急剧下降，抑制了好氧微生物和植物酶的活性，减少了粗蛋白质的分解，降低了氨态氮含量。

本试验中纤维素酶和复合益生菌共同添加时，对青贮料的青贮品质影响效果较好。Chen 等[33]发现，复合酶和乳酸菌制剂组合添加与单一添加相比可进一步提高青贮发酵品质。Nadeau 等[34]发现，青贮过程中同时添加复合酶和乳酸菌制剂，既提高了青贮发酵初期乳酸菌的数量，又增加了乳酸发酵的底物，可以获得协同增效的作用。兴丽等[35]研究发现，乳酸菌和纤维素酶共同添加可显著降低青贮玉米的 pH 和氨态氮/总氮。本试验中，所有组的可溶性碳水化合物含量与对照组相比显著降低，全株玉米本身中含有较为丰富的可溶性碳水化合物，为乳酸菌的定植提供了丰富的营养物质，因此益生菌的生长可能利用了全株玉米中的可溶性碳水化合物，也可能与菌和酶之间的复杂作用有关，更深入的原因有待进一步研究。

3.4　不同添加剂处理对全株青贮玉米微生物菌落的影响

本试验中，菌酶联合组全株青贮玉米中乳酸菌和酵母菌的数量和对照组相比均显著降低，这与该组全株青贮玉米具有较低的 pH 有关。Xing 等[28]和 Cai 等[36]的研究表明，低 pH 抑制微生物的生长。复合益生菌组全株玉米青贮虽然具有较低的 pH，但乳酸菌数量却显著高于纤维素酶组和菌酶联合组，这可能是益生菌中的乳酸菌为秸秆青贮优势菌，在青贮饲料中添加后大量生长和繁殖的原因。

乳酸菌是青贮成功的关键微生物，青贮前期乳酸菌快速繁殖产生大量乳酸，使 pH 迅速降低到 4.2 以下，从而抑制有害菌的繁殖。酵母菌可改善青贮饲料的适口性和风味，在厌氧环境下，酵母菌可分解糖，产生乙醇、乙酸、丙酸、和少量的乳酸。在好氧环境下，酵母菌可氧化糖，产生水和二氧化碳[37]。青贮饲料包含很多微生物，其中乳酸菌的种类和数量最多，在青贮过程中起主要作用，酵母菌和需氧菌在青贮保存过程中数量较少，一旦青贮饲料与空气接触，酵母菌和需氧菌开始活跃并使青贮饲料开始腐败变质[38]。本试验结果表明，青贮 45 d 后全株青贮玉米中需氧菌的数量和 Liu 等[19]、Xing 等[28]的研究相比偏高，可能和聚乙烯塑料袋法青贮有关。苗芳等[39]用同样的方法添加不同菌剂青贮全株玉米，60 d 后青贮料中需氧菌的数量和初始原料相比显著降低。兴丽等[35]测定乳酸菌青贮全株玉米中酵母菌的数量也达到了 10^6 CFU/g 以上。因本试验未对发酵前全株玉米中的菌群进行测定，这 2

种菌群数值偏高的原因还有待进一步研究。试验中菌酶联合组全株青贮玉米中的酵母菌和需氧菌的数量相对其他各组显著降低，说明了该组饲料青贮发酵之后的品质相对较好。

4 结 论

纤维素酶和复合益生菌的联合处理显著提高了青贮饲料中的粗蛋白质含量，降低了青贮饲料中的中性洗涤纤维、酸性洗涤纤维和纤维素含量，降低了青贮饲料的 pH 和氨态氮/总氮，减少了其中乳酸菌、酵母菌和需氧菌的数量，有效提高了全株青贮玉米的营养价值和品质。

参考文献：

[1] 梁萍.不同生育期青贮玉米营养含量及瘤胃降解特性研究[D].硕士学位论文.福州:福建农林大学,2006.

[2] STOKES M R.Effects of an enzyme mixture,an inoculant,and their interaction on silage fermentation and dairy production[J].Journal of Dairy Science,1992,75(3):764–773.

[3] 刘辉,卜登攀,吕中旺,等.凋萎和不同添加剂对紫花苜蓿青贮品质的影响[J].草业学报,2015,24(5):126–133.

[4] LI Y K,YU C Q,ZHU W Y,et al.Effect of complex lactic acid bacteria on silage quality and *in vitro* dry matter digestibility of corn straw[J].Journal of Animal and Veterinary Advances,2012,11(9):1395–1399.

[5] 王明.甜高粱与苜蓿混贮的发酵、有氧稳定性及微生物变化研究[D].硕士学位论文.阿拉尔:塔里木大学,2017.

[6] 王富生,马俊孝,任红卫,等.微生物青贮剂在玉米秸秆黄贮中的作用[J].山东大学学报:理学版,2004,39(2):112–115.

[7] 任付平.复合微生物菌剂在全株玉米青贮中的应用与研究[D].硕士学位论文.西安:西北大学,2007.

[8] 蔡元.酶制剂对青贮玉米秸秆品质影响的研究[J].甘肃畜牧兽医,2011,41(4):21–23.

[9] CHILSON J M,REZAMAND P,DREWNOSKI M E,et al.Effect of homofermentative lactic acid bacteria and exogenous hydrolytic enzymes on the ensiling characteristics and rumen degradability of alfalfa and corn silages[J].The Professional Animal

Scientist,2016,32(5):598–604.

[10] 张子仪.中国饲料学[M].3 版.北京:中国农业出版社,2000:194–201.

[11] 张丽英.饲料分析及饲料质量检测技术[M].北京:中国农业大学出版社,2007:49–75.

[12] VAN SOEST P J,ROBERTSON J B,LEWIS B A.Methods for dietary fiber,neutral detergent fiber,and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition.[J].Journal of Dairy Science,1991,74(10):3583–3597.

[13] 杨胜.饲料分析及饲料质量检测技术[M].北京农业大学出版社,1999:15–98.

[14] BRODERICK G A,KANG J H.Automated simultaneous determination of ammonia and total amino acids in ruminal fluid and *in vitro* media[J].Journal of Dairy Science,1980,63(1):64–75.

[15] OWENS V N,ALBRECHT K A,MUCK R E,et al.Protein degradation and fermentation characteristics of red clover and alfalfa silage harvested with varying levels of total nonstructural carbohydrates[J].Crop Science,1999,39(6):1873–1880.

[16] ZUO R Y,CHANG J,YIN Q Q,et al.Inhibiting *Aspergillus flavus* growth and degrading aflatoxin B_1 by combined beneficial microbes[J].African Journal of Biotechnology,2016(65):12903–12909.

[17] 许庆方,张翔,董宽虎,等.不同品种玉米植株 3 种调制方法效果比较[J].草地学报,2010,18(1):67–72.

[18] VAN VUUREN A M,BERGSMA K,FROL-KRAMER F,et al.Effects of addition of cell wall degrading enzymes on the chemical composition and the *in sacco* degradation of grass silage[J].Grass and Forage Science,1989,44(2):223–230.

[19] LIU Q H,SHAO T,BAI Y F.The effect of fibrolytic enzyme,*Lactobacillus plantarum* and two food antioxidants on the fermentation quality,alpha-tocopherol and beta-carotene of high moisture napier grass silage ensiled at different temperatures[J].Animal Feed Science and Technology,2016,221:1–11.

[20] 汤少伟,付石军,郭时金.酵母培养物在饲料中的应用[J].中国饲料,2011(8):21–23.

[21] 高玉云,王燕,袁智勇.饲料酵母在畜牧业中的研究与利用[J].广东饲

料,2008,17(12):35–37.

[22] 张强,徐升运,任平.复合菌剂青贮沙棘鲜叶的研究[J].江苏农业科学,2012,40(11):225–226.

[23] 张相伦,游伟,赵红波,等.乳酸菌制剂对全株玉米青贮品质及营养成分的影响[J].动物营养学报,2018,30(1):336–342.

[24] NI K K,WANG Y P,PANG H L,et al.Effect of cellulase and lactic acid bacteria on fermentation quality and chemical composition of wheat straw silage[J].American Journal of Plant Sciences,2014,5(13):1877–1884.

[25] 谭树义,王峰,郑心力,等.复合酶和乳酸菌制剂对玉米秸秆青贮发酵品质的影响[J].粮食与饲料工业,2016,12(8):54–56.

[26] 王兴刚.添加乳酸菌与酶制剂对稻秸青贮品质的影响[D].硕士学位论文.南京:南京农业大学,2013.

[27] 王启芝,何仁春,黄光云,等.不同处理方式对玉米秸秆青贮营养价值的影响[J].上海畜牧兽医通讯,2017(4):36–37.

[28] XING L,CHEN L J,HAN L J.The effect of an inoculant and enzymes on fermentation and nutritive value of sorghum straw silages[J].Bioresource Technology,2009,100(1):488–491.

[29] 吕建敏,陈民利,胡伟莲.添加酶制剂对青贮玉米秸发酵品质和营养价值的影响[J].中国畜牧杂志,2005,41(7):18–20.

[30] Hristov A N.Effect of a commercial enzyme preparation on alfalfa silage fermentation and protein degradability[J].Animal Feed Science and Technology,1993,42(3/4):273–282.

[31] 田允波.生物性青贮添加剂[J].饲料研究,1996(7):25–26.

[32] 陶莲,孙启忠,玉柱,等.乳酸菌添加剂对全株玉米和苜蓿青贮品质的影响[J].中国奶牛,2009(2):13–16.

[33] CHEN J,STOKES M R,WALLACE C R.Effects of enzyme-inoculant systems on preservation and nutritive value of haycrop and corn silages[J].Journal of Dairy Science,1994,77(2):501–512.

[34] NADEAU E M G,BUXTON D R,RUSSELL J R,et al.Enzyme,bacterial inoculant,and

formic acid effects on silage composition of orchardgrass and alfalfa[J].Journal of Dairy Science,2000,83(7):1487–1502.

[35] 兴丽,韩鲁佳,刘贤,等.乳酸菌和纤维素酶对全株玉米青贮发酵品质和微生物菌落的影响[J].中国农业大学学报,2004,9(5):38–41.

[36] CAI Y M,BENNO Y,OGAWA M,et al.Influence of *Lactobacillus* spp. from an inoculant and of *Weissella* and *Leuconostoc* spp. from forage crops on silage fermentation[J].Applied and Environmental Microbiology,1998,64(8):2982–2987.

[37] O'DONNELL C,WILLIAMS A G,BIDDLESTONE A J.The effects of pressure and stage of ensilage on the mechanical properties and effluent production potential of grass silage[J].Grass and Forage Science,1997,52(1):12–26.

[38] 杨云贵,张越利,杜欣,等.2 种玉米青贮饲料青贮过程中主要微生物的变化规律研究[J].畜牧兽医学报,2012,43(3):397–403.

[39] 苗芳,张凡凡,唐开婷,等.同/异质型乳酸菌添加对全株玉米青贮发酵特性、营养品质及有氧稳定性的影响[J].草业学报,2017,26(9):167–175.

Effects of Cellulase and Compound Probiotics on Silage Quality of Whole Corn

SUN Guibin[1] CHANG Juan[1 *] YIN Qingqiang[1] LIU Chaoqi[1] XIE Fenglian[1]

WANG Ping[1] DANG Xiaowei[2] ZHANG Zhimin[3]

（1. *College of Animal Science and Veterinary Medicine*, *Henan Agriculture University*, *Zhengzhou* 450002, *China;* 2. *Henan Delin Biological Product Co*. *Ltd*., *Xinxiang* 453000, *China*; 3. *Microbiology Institute of Shanxi*, Xi'an 710043, *China*）

Abstract: The aim of this study was investigated the effects of cellulase and compound probiotics on the silage quality of whole corn. The whole corn was used in this experiment, and was divided into 4 groups: control group (no additive), cellulase (1 g/kg) group, compound probiotic (2 mL/kg) group, compound probiotic (2 mL/kg) and cellulase (1 g/kg) combined group, with 3 replicates in each group. After 45 days of silage, the nutrient composition, fermentation quality and the number of microbial colonies were analyzed. The results showed as follows: 1) the crude protein content

of cellulase group and probiotics enzyme combined group were significantly higher than that of control group (P<0.05). The compound probiotics and enzyme combined treatment significantly decreased the neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF) and cellulose contents of whole corn silage (P<0.05). 2) The sensory quality of corn silage in each group was improved, and the water soluble carbohydrates（WSC）content and pH were significantly decreased compared with the control group (P<0.05), and the compound probiotics and enzyme combined treatment significantly decreased the ammonia nitrogen/total nitrogen of whole corn silage (P<0.05). 3) The compound probiotics and enzyme combined treatment significantly decreased the number of lactic acid bacteria, yeasts and aerobic bacteria of whole corn silage (P<0.05). In conclusion, combined treatment of cellulase and complex probiotics can effectively improve the nutritional value and quality of whole corn silage.

Key words: whole corn silage; cellulase; compound probiotics; silage quality

*Correspond author, associate professor, E-mail: changjuan2000@126.com（责任编辑　陈　鑫）